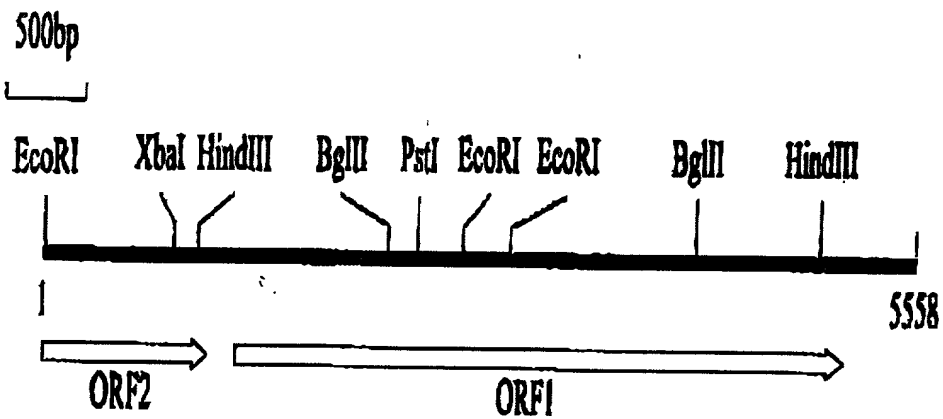


Fig 1

a)

PCR

b)

inverse PCR

c)

EcoRI BglII EcoRI HindIII

clone 1 clone 2

d)

PCR

inverse PCR

2/17

Fig 2

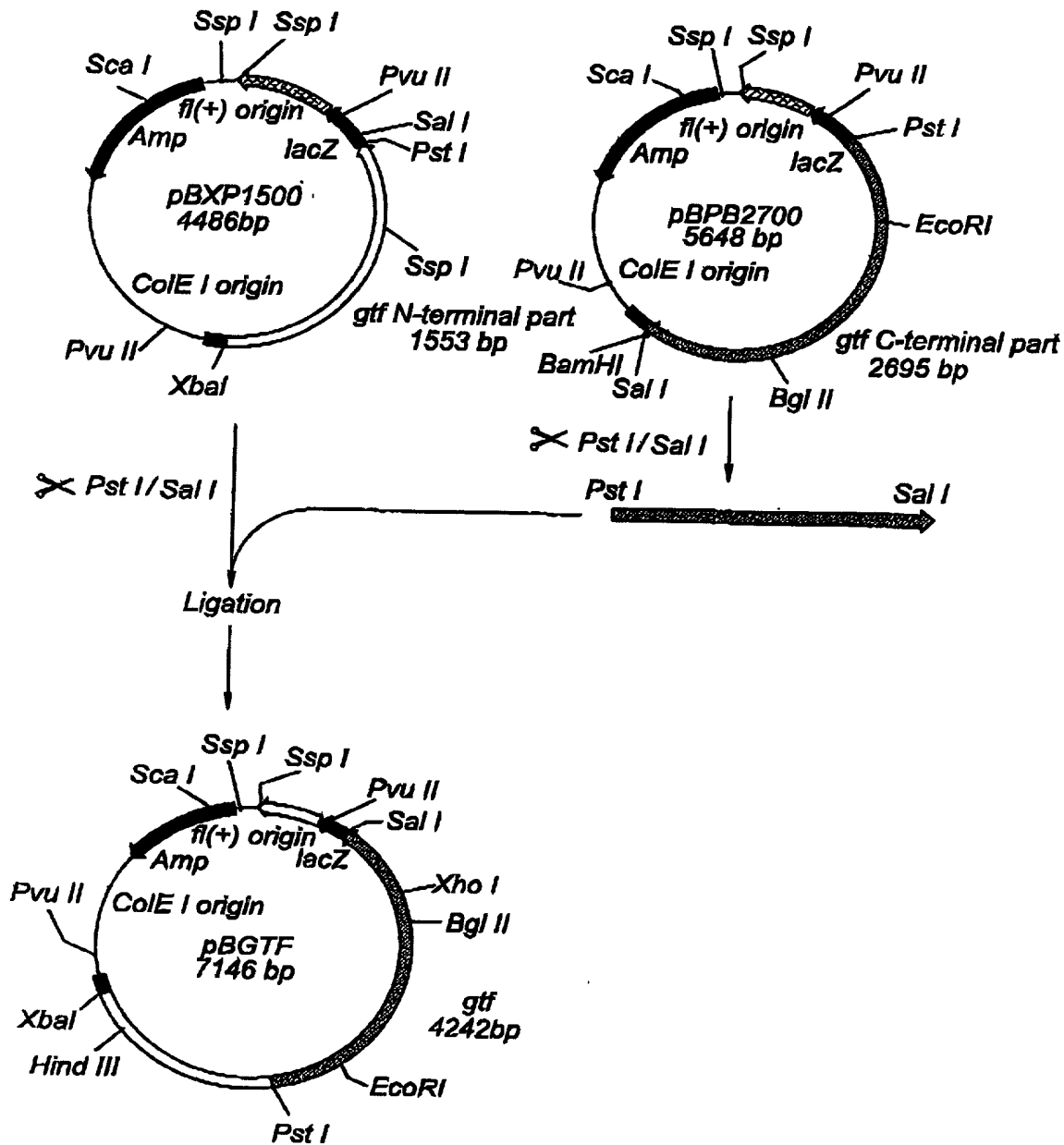


Fig.3.1

3/17

1 ATACATATTTTGGGCTTCTTTTGTGTTAAACTGTAAATTGAATTTTATTTGAAAAA
1 Y I F W A S F F V * N C K F E F Y L K K
-35 -10
61 ATTTTGGCTAGAAATTGAAATTCCTTTGAAAAATAAAACATCATAGTATATAATAC
21 F W L E F E N S L * K N K T S * Y Y N T
RBS start
121 CGATAATCAAATTGTTTATTTGATATGAAGGAGATTAAATGGAATAAAGAAACATTT
41 D N Q I V Y F D M K E I K M E I K K H F
181 TAAGTTGTACAAAAGCGGCAAACAATGGGTAACAGCAGCAGTGGCTACCGTTGCCGTTTC
61 K L Y K S G K Q W V T A A V A T V A V S
241 AACTGCGCTTCTTTACGGAGGAGTTGCGCATGCTGACCAACAAGTTCAGCAAGCTTCCAC
81 T A L L Y G G V A H A D Q Q V Q Q A S T
301 GACTCAAGACCAAACCTTCTACCGTAAATAATGATACTGATAAAACAGTAGCTTTAGATAC
101 T Q D Q T S T V N N D T D K T V A L D T
361 TAATACTGACCAGTCAGCTCAAACAACCTGATAAAAAACAAGTAGTATCAAATACTAACCA
121 N T D Q S A Q T T D K K Q V V S N T N Q
421 AAGCAAACTGATGACACTTCAACAGCTGATAAGAATTCTACTTCTACACCTGTTTCTGT
141 S K T D D T S T A D K N S T S T P V S V
481 TTTGCCATCTAATAATACTGAAAAACAAGCTAAAAATTATAATGAGCAAGACAAAGGAAA
161 L P S N N T E K Q A K N Y N E Q D K G N
541 CTATGGGAATATTGATACTGCTTACTTTAGCAATAATCAATTGCATGTTTCAGGATGGAA
181 Y G N I D T A Y F S N N Q L H V S G W N
601 TGCAACGAACGCATCTCAAGGAACAAACAGTCGACAAATCATTGTGCGTGATATCACAAC
201 A T N A S Q G T N S R Q I I V R D I T T
661 CAATAATGAATTAGGTGCGACTGATGTAACAAACAATGTTGCACGCCAGACGTTAAGAA
221 N N E L G R T D V T N N V A R P D V K N

T0627 6445555D

Fig.3.2

```

721  TGTTCATAATGTTTATAACGCTGATAATTCTGGATTTCATGTTAATGTCAATATTGACTT
241  V H N V Y N A D N S G F D V N V N I D F

781  TAGCAAGATGAAAGATTATCGGGATTCAATTGAAATTGTTAGTCGATACAGTGGAAACGG
261  S K M K D Y R D S I E I V S R Y S G N G

841  TAAATCTGTTGACTGGTGGTCCCAACCGATCACTTTTGACAAAACAACCTATGCTTATCT
281  K S V D W W S Q P I T F D K N N Y A Y L

901  TGATACATTTGAAGTGAAAAATGGCGAATTACATGCAACCGGATGGAATGCTACTAATAG
301  D T F E V K N G E L H A T G W N A T N S

961  TCGATTAACTATAATCACCATTTTGTGATTTTGTTTGATCAAACGAATGGTAAAGAAGT
321  A I N Y N H H F V I L F D Q T N G K E V

1021 AGCACGACAAGAAGTTCGTGAAGGTCAATCACGCCCAGATGTTGCTAAGGTATATCCACA
341  A R Q E V R E G Q S R P D V A K V Y P Q

1081 AGTAGTTGGTGCTGCCAACTCAGGCTTTAATGTGACATTTAATATCAGTGATTAGATTA
361  V V G A A N S G F N V T F N I S D L D Y

1141 TACTCACCAGTACCAAGTTCCTTAGTCGTTACAGCAATTCTGATAATGGCGAAGGTGATAA
381  T H Q Y Q V L S R Y S N S D N G E G D N

1201 CGTTACCTACTGGTTTAAATCCACAATCCATTGCTCCTGCTAATCAAAGTAACCAGGGTTA
401  V T Y W F N P Q S I A P A N Q S N Q G Y

1261 TCTAGACTCATTTGATATTAGTAAAAATGGTGAAGTAACAGTAACTGGATGGAACGCTAC
421  L D S F D I S K N G E V T V T G W N A T

1321 TGACTTGTGAGAATTACAAAACAACCATTATGTGATTCTATTTGATCAGACAGCAGGCAA
441  D L S E L Q N N H Y V I L F D Q T A G K

```

Fig.3.3

5/17

1381 ACAAGTTGCATCTGCTAAAGCTGATTTAATTCACGTCCAGATGTTGCTAAAGCTTATCC
461 Q V A S A K A D L I S R P D V A K A Y P

1441 AACAGTAAAAACAGCTACAAATTCGGCTTCAAGGTAACATTAAAGGTTAATACTTACA
481 T V K T A T N S G F K V T F K V N N L Q

1501 ACCGGGTCACCAATACAGCGTTGTAAGTCGTTTCTCTGCCGATGAAAATGGTAATGGTAA
501 P G H Q Y S V V S R F S A D E N G N G N

1561 TGATAAGCGCCATACAGATTACTGGTTTAGTCCAGTAATATTAAACCAGACTGCTTCAAA
521 D K R H T D Y W F S P V I L N Q T A S N

1621 CATTGATACTATTACAATGACATCTAATGGTTTACATATTGCAGGTTGGATGGCAAGTGA
541 I D T I T M T S N G L H I A G W M A S D

1681 TAACTCAATTAATGAAACAACCTCCATACGCTATTATCCTCAATAATGGAAAAGAAGTTAC
561 N S I N E T T P Y A I I L N N G K E V T

1741 TCGTCAAAAGATGAGCTTAACCGCCCGTCCAGATGTAGCAGCAGTATATCCTTCACTTTA
581 R Q K M S L T A R P D V A A V Y P S L Y

1801 TAATAGTGCTGTAGTGGTTTTGACACTACTATTAAATTGACTAATGATCAATATCAAGC
601 N S A V S G F D T T I K L T N D Q Y Q A

1861 GCTTAATGGCCAATTACAAGTATTGTTACGTTTTTCTAAAGCTGCTGATGGTAATCCAAG
621 L N G Q L Q V L L R F S K A A D G N P S

1921 TGGTGATAATACTGTAAGTCAATTTAGTAAAAATTATGCAACTACTGGTGGAACTT
641 G D N T V T D Q F S K N Y A T T G G N F

1981 TGACTATGTAAAAGTAAATGGTAATCAAGTTGAATTTAGTGGTTGGCAGCAACTAACCA
661 D Y V K V N G N Q V E F S G W H A T N Q

6/17

Fig.3.4

2041 ATCAAATGATAAAGATTACAAATGGATTATTGTTTTAGTTAATGGTAAGGAAGTAAAGCG
681 S N D K D S Q W I I V L V N G K E V K R

2101 TCAATTAGTTAATGATACTAAAGAGGGAGCTGCTGGCTTCAACCGAAACGATGTCTACAA
701 Q L V N D T K E G A A G F N R N D V Y K

2161 AGTAAATCCAGCTATTGAAAACAGTTCTATGTCTGGATTCCAAGGCATTATTACTTTACC
721 V N P A I E N S S M S G F Q G I I T L P

2221 TGTGACAGTTAAAAACGAAAATGTCCAAGTTGTTTCATCGGTTTAGTAACGATGTGAAGAC
741 V T V K N E N V Q L V H R F S N D V K T

2281 TGSTGAAGGTAAGTATGTTGATTTCTGGTCAGAGCTAATGCCTGTTAAGGATAGCTTCCA
761 G E G N Y V D F W S E L M P V K D S F Q

2341 AAAGGGGAATGGCCCACTTAAGCAATTTGGCTTACAACTATTAACGGTCAACAATATTA
781 K G N G P L K Q F G L Q T I N G Q Q Y Y

2401 TATTGACCCAACAAGTGGTCAACCACGTAAGAATTTCTTATTACAAAGTGGAAATAATTG
801 I D P T T G Q P R K N F L L Q S G N N W

2461 GATTTACTTTGATAGTGATACTGGTGTGGGTACTAATGCACTTGAATTACAATTTGCAAA
821 I Y F D S D T G V G T N A L E L Q F A K

2521 GGGAACTGTTTCATCTAATGAACAATACCGTAACGGTAATGCAGCTTACAGTTATGATGA
841 G T V S S N E Q Y R N G N A A Y S Y D D

2581 CAAGAGTATCGAAAATGTAAATGGTTACTTAACAGCAGATACATGGTACCGTCCAAAACA
861 K S I E N V N G Y L T A D T W Y R P K Q

2641 GATCTTAAAGGATGGAACTACCTGGACTGACTCAAAGAAACAGATATGCGACCAATCTT
881 I L K D G T T W T D S K E T D M R P I L

2701 GATGGTATGGTGGCCTAATACTCTTACCCAAGCATACTACCTTAATTACATGAAACAACA

2002-11-01 17:30

7/17

Fig.3.5

901 M V W W P N T L T Q A Y Y L N Y M K Q H
2761 TGGTAATTTATTACCATCTGCTTTACCATTCTTTAATGCGGATGCTGATCCTGCAGAATT
921 G N L L P S A L P F F N A D A D P A E L
2821 AAATCATTATTCCGAAATTGTGCAACAAATATTGAAAACGAATTAGTGAAACCGGAAA
941 N H Y S E I V Q Q N I E K R I S E T G N
2881 TACTGATTGGTTACGTACTTTAATGCACGATTTTGTACTAACAATCCGATGTGGAATAA
961 T D W L R T L M H D F V T N N P M W N K
2941 GGATAGTGAAAATGTTAACTTTAGTGGTATTCAATTCCAAGGCGGATTCTTAAAGTATGA
981 D S E N V N F S G I Q F Q G G F L K Y E
3001 AAACTCAGATTTAACGCCTTATGCTAACTCTGATTATCGCTTACTTGGTCGGATGCCAAT
1001 N S D L T P Y A N S D Y R L L G R M P I
3061 CAATATTAAGGATCAAACATATCGGGGACAAGAATTCCTACTTGCTAACGATATTGATAA
1021 N I K D Q T Y R G Q E F L L A N D I D N
3121 CTCTAATCCTGTTGTTCAAGCAGAACAAATTAAGTGGTTATACTATCTCTTGAACCTTGG
1041 S N P V V Q A E Q L N W L Y Y L L N F G
3181 AACGATCACAGCTAATAATGATCAAGCTAATTTTGATTCTGTACGGGTAGATGCACCGGA
1061 T I T A N N D Q A N F D S V R V D A P D
3241 TAATATTGATGCCGATCTTATGAATATCGCTCAGGACTACTTTAATGCTGCATATGGTAT
1081 N I D A D L M N I A Q D Y F N A A Y G M
3301 GGAATCAGATGCTGTCTCAAATAAGCATATTAAATATTCTTGAAGACTGGAATCATGCTGA
1101 D S D A V S N K H I N I L E D W N H A D
3361 TCCGGAATACTTTAATAAGATCGGAAATCCACAATTGACAATGGATGATACTATTAAGAA
1121 P E Y F N K I G N P Q L T M D D T I K N

F0627 6455660

8/17

Fig.3.6

3421 TTCCCTGAATCATGGGCTTTCAGATGCAACTAATCGTTGGGGATTAGATGCAATTGTTCA
1141 S L N H G L S D A T N R W G L D A I V H

3481 TCAGTCATTAGCTGATCGTGAAAATAATTCCACGGAAAATGTTGTAATTCCTAATTACAG
1161 Q S L A D R E N N S T E N V V I P N Y S

3541 TTTCGTTCTGGGCTCACGATAATAATTCTCAAGATCAAATTCAAAATGCTATTCGTGATGT
1181 F V R A H D N N S Q D Q I Q N A I R D V

3601 AACAGGCAAAGATTACCATACTTTCACPTTTGAAGATGAGCAAAGGGTATTGATGCGTA
1201 T G K D Y H T F T F E D E Q K G I D A Y

3661 CATTCAAGATCAAATTC AACAGTGAAGAAATATAACCTTTATAATATTCGGGCTTCATA
1221 I Q D Q N S T V K K Y N L Y N I P A S Y

3721 CGCAATTCTTTTAACTAACAAGGATACAATTCCACGTGTATACTATGGTGACTTGTATAC
1241 A I L L T N K D T I P R V Y Y G D L Y T

3781 TGATGGTGGCCAATACATGGAACATCAAACACGTTACTATGATACTTTAACGAACCTGCT
1261 D G G Q Y M E H Q T R Y Y D T L T N L L

3841 TAAATCACGAGTTAAGTATGTTGCCGGTGGCCAATCAATGCAAACAATGAGCGTTGGCGG
1281 K S R V K Y V A G G Q S M Q T M S V G G

3901 CAATAATAACATTTTAACTAGTGTTCGTTATGGTAAAGGTGCGATGACAGCTACTGATAC
1301 N N N I L T S V R Y G K G A M T A T D T

3961 TGGTACTGATGAAACCAGAACACAAGGTATTGGGGTTGTTGTAAGTAATACGCCAAATCT
1321 G T D E T R T Q G I G V V V S N T P N L

4021 AAAGCTAGGTGTCAACGATAAAGTAGTTCTTCATATGGGAGCTGCGCACAGAACCAACA
1341 K L G V N D K V V L H M G A A H K N Q Q

P0627 54255550

10/17

Fig.3.8

4801 TGTTAATACTATTGGTGGTGGCGAATACCAGAAGAAGTATGGTGGAGCATTCCTCGATAA
1601 V N T I G G G E Y Q K K Y G G A F L D K

4861 GTTACAAAACCTTTATCCTGAAATCTTCACAAAGAAGCAAGTTTCAACTGGTGGTGGCTAT
1621 L Q K L Y P E I F T K K Q V S T G V A I

4921 TGATCCTTCACAAAAGATAACTGAATGGTCAGCAAATACTTTAATGGAACAAACATTCT
1641 D P S Q K I T E W S A K Y F N G T N I L

4981 CCATCGTGGTTCCTGGTTATGTACTAAAAGCTGATGGTGGTCAATACTACAACCTTAGGTAC
1661 H R G S G Y V L K A D G G Q Y Y N L G T

5041 TACTACAAAGCAATTCTTGCCAATTCATTAAGTGGTGAAAAGAAACAAGGAAATGAAGG
1681 T T K Q F L P I Q L T G E K K Q G N E G

5101 CTTTGTTAAGGGTAATGATGGAAATTACTACTTCTATGACTTAGCAGGTAATATGGTTAA
1701 F V K G N D G N Y Y F Y D L A G N M V K

5161 GAATACCTTTATTGAAGATAGTGTGGCAACTGGTACTTCTTTGACCAAGATGGTAAGAT
1721 N T F I E D S V G N W Y F F D Q D G K M

5221 GGTGAAAATAAACATTTTCGTTGATGTTGATTCTTATGGTGAAAAGGTACTTACTTCTT
1741 V E N K H F V D V D S Y G E K G T Y F F

5281 CTTGAAGAATGGTGTATCATTCCTGGTGGGGATTAGTGCAAAGTACCAATGGTACTTATTA
1761 L K N G V S F R G G L V Q T D N G T Y Y

5341 CTTTGATAATTATGGAAAGATGGTACGTAATCAAACCTATTAATGCAGGTGCCATGATTTA
1781 F D N Y G K M V R N Q T I N A G A M I Y

5401 TACCTTAGATGAAAACGGTAAGCTTATAAAGGCTAGTTATAATTCAGATGCCGAATATCC
1801 T L D E N G K L I K A S Y N S D A E Y P

"SECRET" 0405550

11/17

Fig.3.9

5461 AACTTCAACTGATGTTGGTAAGATGCTTGATCAAAATAAACTATAAATGGAAATAATTAG
1821 T S T D V G K M L D Q N K L * M E I I S

5521 CTGATTTCCGTTTCTTAGAATCGAAAGATTTAATAACTGGGGTTAAACGGCCCTACAAA
1841 * F P F L R I E R F N N W G * N G P T K

5581 ATCTGATATTGATATAGAGATATTATTTCTATATCAATATCAGATTTTTGCTTTTTATA
1861 S D I D I E I L F P I S I S D F C F L *

5641 AAATTGATTGTGACTAATAAGAATCCGGAAGATAACGTTGTTGTTATATCAGTGGATTTA
1881 N * L * L I R I R K I T L L L Y Q W I *

5701 AGCAACATGAATTAATTGAAGATGACGGCAATGATTAAAAGTCGGTCTGATGATTATTGA
1901 A T * I N * R * R Q * L K V G L M I I D

5761 TGTATTACTAGTATTTGGTTTTTATCATTATATTTTTACTGTTATTGGTGTCTATATATT
1921 V L L V F G F Y H L Y F Y C Y W C H I F

5821 CCACAATAACAGTAAAGGTATATATGCTAGTTTATTTTTTAAGTAATTATAATATTCTGA
1941 H N N S K G I Y A S L F F K * L * Y S D

5881 TTATAAATTGGAAATATTCGCTTTTAGCAAAAAGGTAGTAAACAGATCAGAATCGTCATT
1961 Y N L E I F A F S K K V V N R S E S S F

5941 CTGCTTTTCTACTACTAAAAGTCTGTTTTAAATTCTAAACTAAAATAGGCTAAACACTGA
1981 C F S T T K S L F * I L N * N R L N T D

6001 TGTTTATCATTATATTTTTTACTGTT
2001 V Y H L Y F Y C

12/17

Fig.4.1

o ↓ vv

GTFD	LLANDIDNSNPVVQAEQLNWLHYLMNYGSI VANDPEANFDGVRVDAVDNVNADLLQIASD	480
DSRS	LLANDVDNSNVVVEAEQLNWLHYLMNFGTITANDADANFDGIRVDAVDNVDAADLLQIAAD	576
ASR	LLANDIDNSNPVQAEQLNWLHYLMNFGSITGNNDNANFDGIRVDAVDNVDAADLLKIAGD	650
GTFA	LLANDIDNSNPVVQAEQLNWLHYLLNFGTITANNDQANFDSVRVDAVDNIDADLMNIAQD	509
	***** ,***** ,* ,***** ** ,* ,* ,* * ***** ,***** ** ,*** ,** *	
AS	262QWDLN ₂₆₆ .290IVRMDAVAFI ₂₉₈	
	-----H3----- --E4- -----H4--	
	↓vvv	
GTFD	YLKAHYGVDKSEKNAINHLSILEAWSNDNPQYNKDTKGAQLPIDNKLRLSLLYALTRPLE	540
DSRS	YFKLAYGVDQNDATANQHLSILEDWSHNDPLYVTDQGSNQLTMDDYVHTQLIWSLTK--S	634
ASR	YFKALYGTDKSDANANKHLSILEDWNGKDPQYVNQQGNAQLTMDYTVTSQFGNSLTHGAN	710
GTFA	YFNAAYGMD-SDAVSNKHINILEDWNHADPEYFNKIGNPQLTMDDTIK---NSLNHGLS	564
	* ** * . * , *** * ** * ** . * . * . .	
	----- -E5-- ---H5--- ---E6--	
GTFD	KDASNKNEIRSGLEPVITNSLN-----NRSAGKNSERMANYIFIRA	582
DSRS	---SD---IRGTMQRFVDYVM-----DRSNDSTENEAIIPNYSFVRA	660
ASR	N-RSN---MWYFLDTGYLNGDLNKKIVDKNRPNSGTLVNRIANSBGDTKVIPNYSFVRA	765
GTFA	D-ATN---RWGLDAIVHQS-----LADRENNSTENVVIPNYSFVRA	601
	* . ** * ,**	
AS	396FVRS	
	-----H6----- --E7--	

13/17

Fig.4.2

◆ ↓

GTFD	HDSEVQTVIAKIIKAQINPKTDGLTFTLDELKQAFKIYNEDM--RQAKKKYTQSNIPTAY	640
DSRS	HDSEVQTVIAQIVSDLYPDVENS LAPTTEQLAAAFKVYNEDE--KLADKKYTQYNMASAY	718
ASR	HDYDAQDPPIRKAMIDHGI IKNMQDTFTFDQLAQGMEFYKQDENPSGFKKYNDYNLP SAY	825
GTFA	HDNNSQDQIQNAIRDVTGKD--YHTFTFEDEQKGIDAYIQDQ-N-STVKKYNLYNIPAS Y	657

★★ ★ , ★ ★ ★★ ★

AS HD₄₀₁

---H7-

GTFD	ALMLSNKDSITRLYYGDMYSDDGQYMATKSPYYDAIDTLLKARIKYAAGGQDMKITYVEG	700
DSRS	AMLLTNKDTVPRVYYGDLTYDDGQYMATKSPYYDAINTLLKARVQYVAGGQ-----	769
ASR	AMLLTNKDTVPRVYYGDMYLEGGQYMEKGTIYNPVISALLKARIKYVSGGQTMATDSSGK	885
GTFA	AILLTNKDTIPRVYYGDLTYDGGQYMEHQTRYDYDTLTNLLKSRVKYVAGGQSMQTM SVG-	716

* * * * *

AS 488GLPRIYLG D495

H7-

-E8-

-----H8-----

GTFD	DKSHMDWDYTGVLTSVRYGTGANEATDQGSEATK----	TQGMVITSNNPSLKLNQNDKV	756
DSRS	---SMSVDSNDVLTSVRYGKDAMTASDTGTSETR----	TEGIGVIVSNNAEQLQLEDGHTV	822
ASR	DL---KDGETDLLTSVRFKGKIMTSDQTTTQDNSQDYKNQGIGVIVGNPDLKLNNDKTI		942
GTFA	-----GNNNILTSVRYGKGAMTATDTGTDETR----	TQIGVVVSNTPNLKLGVNDKV	765

χ^2 * * * * *

GTFD	IVNMGAAHKNQEYRPLLLTTKDGLTSYTSDAAAKSLYRKTND-----K-GELVFD	805
DSRS	TLHMGAAHKNQAYRALLSTTADGLAYYDTDENAPVAYTDAN-----GDLIPT	869
ASR	TLHMGKAHKNQLYRALVLSNDSGIDVYSDDKAPTLRTNDNGDLIFHKTNFTVKQDGTII	1002
GTFA	VLHMGAAHKNQOYRAAVLTITTDGVINYTSQDQAPVAMTDENGDLYLSSHNLVVNGK-EEA	824

• • • • •

Fig.4.3

GTFD ASDIQGYLNPQVSGYLAVWVPVGASDNQDVRVAASNKANATG-QVYESSSALDSQLIYEG 864
DSRS NESIYGVQNPQVSGYLAVWVPVGAQQDQDARTASDTTNTSD-KVFHSNAALDSQVIYEG 928
ASR NYEMKGSLNALISGYLGWVPVGASDSQDARTVATESSSSNDGVSFHSNAALDSNVIYEG 1062
GTFA DTAVQGYANPDVSGYLAVWVPVGASDNQDARTAPSTEKNSGN-SAYRTNAAEDSNVIFEA 883

. * * . **** * * * * . . . * * * . *
-E1-

GTFD FSNFQDFVTKDSDYTNKKIAQNVQLFKSWGVTSEMAPQYVSSDG-----SFLDSIIQN 919
DSRS FSNFQAFATDSSEYTNVIAQNAQDFKQWGVTSFQLAPQYRSSTDG-----SFLDSIIQN 983
ASR FSNFQAMPTSPEQSTNVVIATKANLFKELGITSFELAPQYRSSGDTNYGGMSFLDSFLNN 1122
GTFA FSNFVYTPTKESERANVRIAQNADEFFASLGFTSFEMAPQYNSSKDR-----TFLDSTIDN 938

**** * . * ** * * * * . **** . *

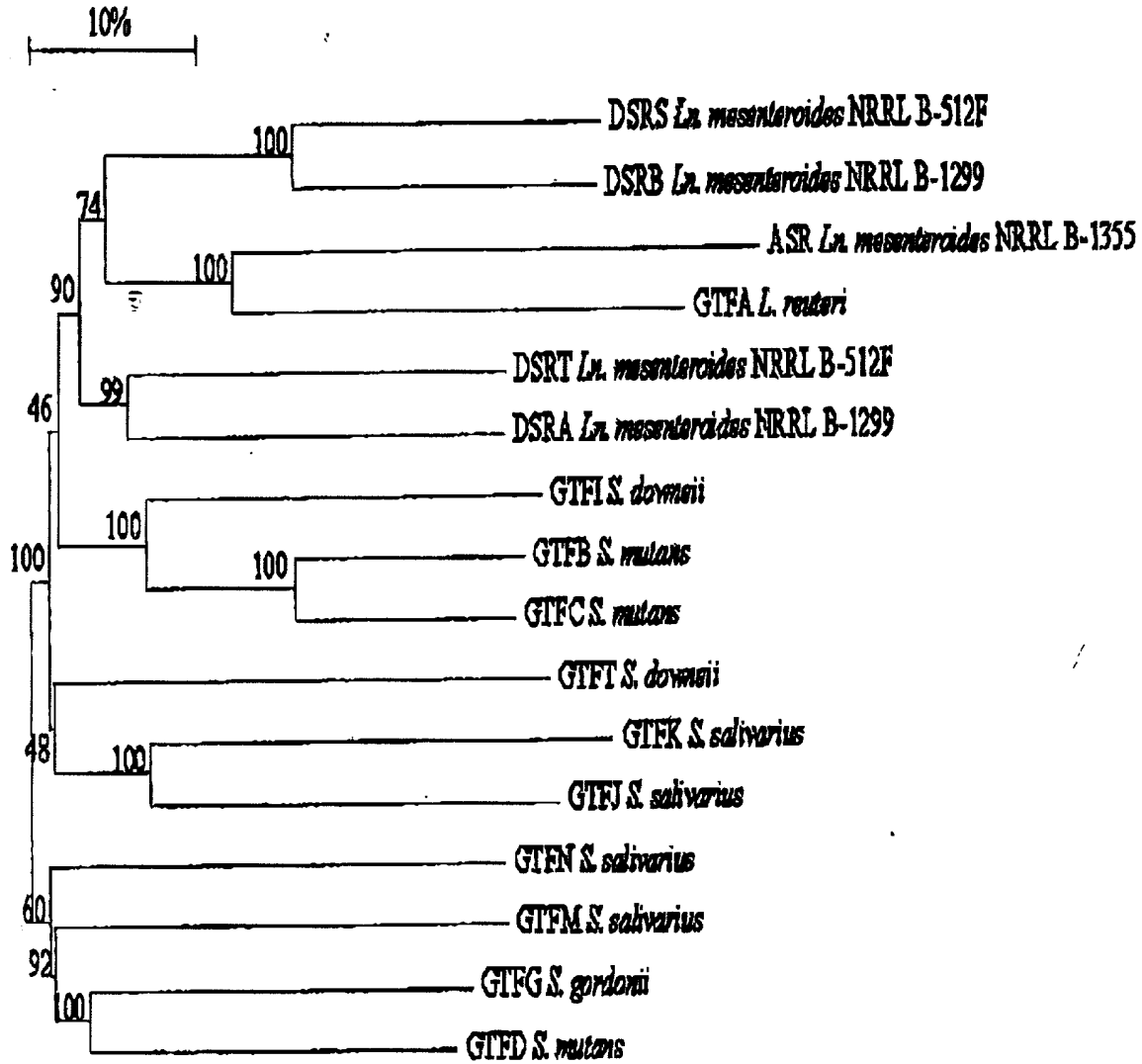
AS 134GLTYLHLM_{P142}
---H1--- --E2-

GTFD GYAFEDRYDLAMSKN--N----KYGSQQDMINAVKALHKSGIQVIADWVPDQ 965
DSRS GYAFTDRYDLGYGTP--T----KYGTADQLRDAIKALHASGIQAIADWVPDQ 1029
ASR GYAFTDRYDLGFNKADGNPNPTKYGTDQDLRNAIEALHKNGMQAIADWVPDQ 1174
GTFA GYAFTDRYDLGMSEP--N----KYGTDEDLRNAIQALHKAGLQVMADWVPDQ 984

**** * * * . * . * * * * . * * * * *

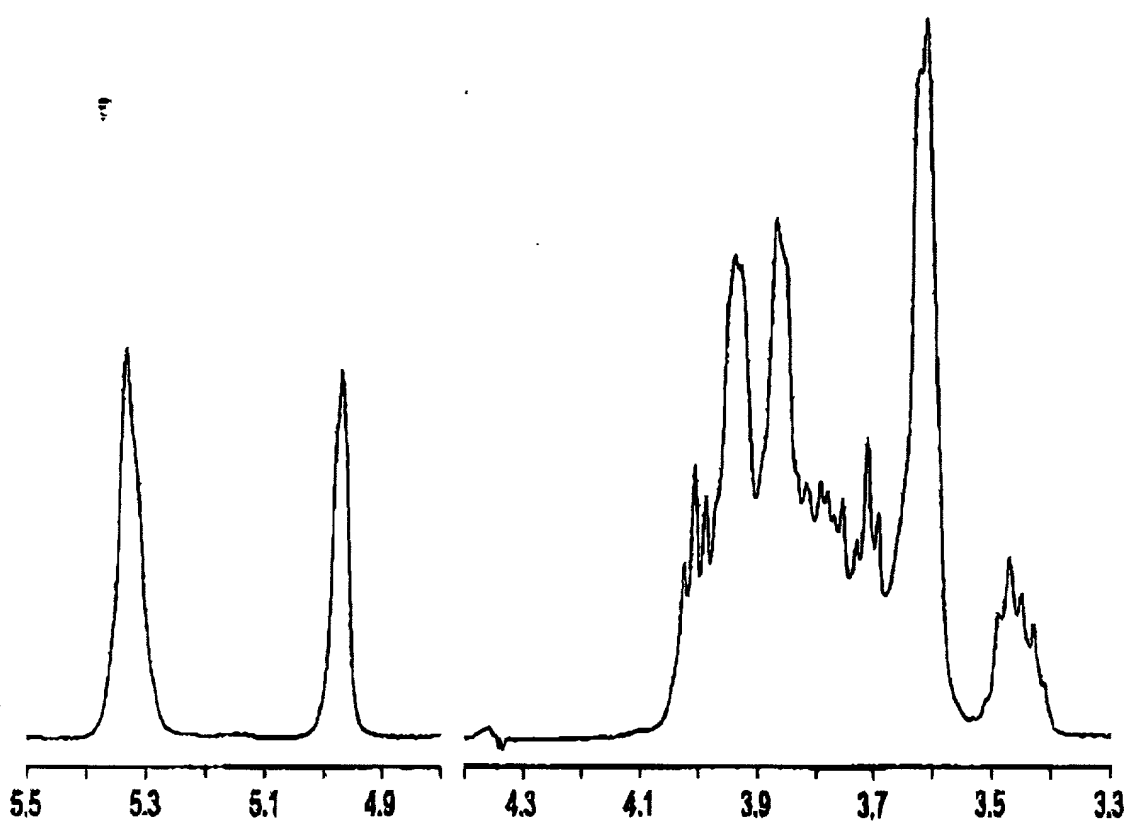
AS 190DFITNH₁₉₅
-----H2----- ---E3--

Fig.5



16/17

Fig.6a



17/17

Fig.6b